TOMY DIGITAL BIOLOGY CO., LTD.





第38回 自動解析ワークフローの作成3

(動作確認)

Geneious では、ワークフロー機能を使用することで、よく使用する解析の組み合わせを実行するために必要な別々のステップをグループ化し、解析を自動化することができます。

<u>チュートリアル用のデータがこちらからダウンロード可能</u>です。ダウンロードした zip ファイルは解凍せずに Geneious Prime にドラッグ&ドロップすることでインストールできます。

前回の記事:<u>第37回 自動解析ワークフローの作成2(ステップの追加)</u>で、新しいワークフローに 解析ステップを追加し、オプションを設定できましたので、ワークフローを完成させ、動作確認を行い ます。

ワークフローは設定した最後のステップの結果(ここまでの設定では系統樹)のみを保存します。もし 途中のアウトプットを保存したい場合は、Add Step メニューから Save Documents / Branch という保存用のステップを追加する必要があります。

例えば今回の例で、De novo assembly ステップで生成されたコンティグを保存したい場合は、 Save Document / Branch ステップを以下のオプションで追加し、De novo assembly ステッ プの下にドラッグ&ドロップで移動します。

• • •	Edit Save Documents / Br	ranch		
Optionally saves the current results. And optionally starts a branch beginning from an earlier step in the workflow.				
Save these documents as output from workflow				
Save in sub-folder called: Include Name				
Select th	ese documents when the operation comp	letes		
And then				
 Continue 				
🔵 Branch fro	m 2 Operations Ago 🗸			
Reset to Defa	ults	Cancel OK		

• • •	Create Workflow	
Workflow Name:	Sanger analysis	
Author:	Geneious Prime	0
Description:	Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree b	uilding
Icon:	👗 Chromatogram 🗸	Choose Custom Icon
Do	Share (read-only) with other Shared Database users	·
0	Share (read-only) with other Geneious Cloud users	
+ Add Step -	Delete Step 🖉 View/Edit Options 🛧 Move Up 🗸 Move Down	⑦ Help
Align/ Option	nds Is: Error probability=0.01; Trim regions Assemble -> De Novo Assemble Is: 'No Documents'; Trim regions Documents / Branch	
Option	hs: Save	
🖄 Gener	ate Consensus Sequence	
) Alignr	nent -> MUSCLE Alignment	
C TreeB	uilding -> Geneious Tree Builder	
		Consul Off
		Cancel

OK をクリックするとワークフローの設定が完了します。 続いて、作成したワークフローが想定通りに動作するかどうかを、サンプルデータで確認します。

チュートリアルファイルで提供されているサンプルのクロマトグラムをすべて選択し、 ツールメニューまたはツールバーから、作成したワークフローを実行します。

16 of 16 selected 🛛 🏹 🖽 🤟

\checkmark		Name ^	Description
\checkmark	М	DSFSE087-07~F_1.ab1	•
\checkmark	М	DSFSE087-07~R_1.ab1	
	М	DSFSE088-07~F_1.ab1	•
\checkmark	М	DSFSE088-07~R_1.ab1	•
	М	DSFSE089-07~F_1.ab1	•
\checkmark	М	DSFSE089-07~R_1.ab1	
	М	DSFSE325-08~F1_1.ab1	
\checkmark	М	DSFSE325-08~R1_1.ab1	
\checkmark	M	FOA088-04F_A11.ab1	
\checkmark	М	FOA088-04R_A11.ab1	•
	М	FOA089-04~F_A02.ab1	
\checkmark	M	FOA089-04~R_A02.ab1	
	M	FOA091-04F_F12.ab1	•
\checkmark	M	FOA091-04R_F12.ab1	
\checkmark	M	FOA092-04F_E12.ab1	•
\checkmark	M	FOA092-04R_E12.ab1	•

🔓 Ma	nage	Workflows	
------	------	-----------	--

- Run Workflow...
- 🖞 Align DNA then build tree
- ⊨ Align DNA via Muscle, Clustal Omega, and Geneious
- Annealed Oligo Cloning
- Apply Variants to Reference Sequence
- ⊨ Batch alignment with MUSCLE
- 🔿 Batch Restriction Cloning
- ☐ Combined mapping and de novo assembly
- 📄 Export individual sequences as images
- √ Filter
- 😺 Group sequences by name
- 🕂 Identify Organism
- ____ Map reads then find variations/SNPs
- Map reads to each reference sequence
- [−][↑] Map reads to reference sequence by name
- 🖘 Merge mapped sequences
- → Modify Annotation Intervals
- 💱 Randomly Sample Sequences
- Set CDS Translation Property
- Split Sequence List
- 🎽 Trim and Filter
- 🕺 Sanger analysis

Tree Build method は Neighbor-Joining を選択します。

• • •	Sanger analysis				
Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree building					
	Tree Build Method: Neighbor-Joining				
£03	Cancel				

設定したように、サンプルごとのアセンブリドキュメントと、すべてのサンプルを含む系統樹が得られ ればワークフローは正しく作成され、動作しています。

ッリービューのオプション「Show Tip Labels」で、各サンプルの Species(種)または Common name(共通名)を選択できます。1 回のバーコーディング PCR で、形態的に似ている 2 つの種を区別できることにご注目ください。

ワークフローに新しいステップを追加する前には、ご自身のデータで各ステップをテストし、すべてが 期待通りに実行されることを確認してから追加していくことをお勧めします。

新しく構築したワークフローにすばやくアクセスしたい場合は、ツールバーを右クリックして Customize を選択し、作成したワークフローにチェックを入れることで、ツールバーに直接アクセス を追加することができます。また、さまざまな解析の設定時に左下隅に表示される歯車ボタンを押す と表示される Show Toolbar Shortcut オプションを使って、ツールバーにボタンを追加すること もできます。

$\leftarrow \rightarrow \textcircled{\bullet} \bullet \textcircled{\bullet} \bullet \textcircled{\bullet} \bullet \textcircled{\bullet}$	🍳 🕒 🗸	Customize Toolbar					
Back Forward Add Export Register	BLAST Workflows	Put back from Deleted items					
Local		Quick Help				0 of 17 selecter	1 V H ~
3D_structure 3	Name ^	Randomly Sample Sequences		Topology	Molecule Ty	Ambiguities	Common Na
Assembling_Chromatograms 35	16 documents			-	-	-	
Emudatabase 1	A DSFSE087-07~		6	linear	DNA	57	Longnose sp
Emu Brotoin database	A DSFSE087-07~	✓ [→] Register	6	linear	DNA	60	Longnose sp
Mauve 12 (1 upread)	A DSFSE088-07~	Release License(s)	6	linear	DNA	62	Longnose sp
Painwise alignments 13	A DSFSE088-07~	Remove Chimeric Reads	6	linear	DNA	80	Longnose sp
Phylogenetics 4	A DSFSE089-07~	Remove Duplicate Reads	6	linear	DNA	89	Longnose sp
Transfer Appotations 8	A DSFSE089-07~	Denemo Salden	6	linear	DNA	55	Longnose sp
Sample Documents 370	A DSFSE325-08~	Rename Folder	6	linear	DNA	60	Longnose sp
Reference Features 841	A DSFSE325-08~	Restore Backup	6	linear	DNA	90	Longnose sp
> Deleted Items 114 (11 unread)	K FOA088-04F_A	C Restriction Cloning	6	linear	DNA	45	Shortnose s
Cloud	K FOA088-04R_A	Reverse Complement	6	linear	DNA	51	Shortnose s
Operations	FOA089-04~F_		6	linear	DNA	114	Shortnose s
V S NCBI	FOA089-04~R_	🔄 🖻 Run Workflow	6	linear	DNA	95	Shortnose st
Gene	FOA091-04F_F	Sanger analysis	6	linear	DNA	51	Shortnose s
Genome	FOA091-04R_F	Save	6	linear	DNA	50	Shortnose st
Nucleotide	K FOA092-04F_E	Care As	b	linear	DNA	46	Shorthose s
PopSet		Save AS					
Protein		Search Everywhere					
PubMed		Search in Current Folder					
Structure		Select All					
Taxonomy		Separate Reads by Barcode					
UniProt							
		++ Sequence					
		Cancel	ОК				

次回はプライマーデザイン機能についてご紹介する予定です。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについては<u>こちら</u> 『Geneious Prime で猫も杓子もシークエンス解析』過去の記事は<u>こちらでチェック!</u>